

学校编码: 10384

分类号_____密级_____

学号: 21620111152355

UDC _____

厦 门 大 学

硕 士 学 位 论 文

南大西洋可培养细菌多样性分析
及其新种分类鉴定

**Diversity Analysis of Culturable Bacteria of the South
Atlantic and Classification and Identification of Novel
Species**

李贵珍

指导教师姓名: 邵宗泽 研究员

专 业 名 称: 生物化学与分子生物学

论文提交日期: 2014 年 5 月 日

论文答辩日期: 2014 年 5 月 日

学位授予日期: 2014 年 月 日

答辩委员会主席: _____

评 阅 人: _____

2014 年 5 月

厦门大学学位论文原创性声明

本人呈交的学位论文是本人在导师指导下,独立完成的研究成果。本人在论文写作中参考其他个人或集体已经发表的研究成果,均在文中以适当方式明确标明,并符合法律规范和《厦门大学研究生学术活动规范(试行)》。

另外,该学位论文为()课题(组)的研究成果,获得()课题(组)经费或实验室的资助,在()实验室完成。(请在以上括号内填写课题或课题组负责人或实验室名称,未有此项声明内容的,可以不作特别声明。)

声明人(签名):
年 月 日

厦门大学学位论文著作权使用声明

本人完全了解厦门大学有关保留、使用学位论文的规定。厦门大学有权保留并向国家主管部门或其指定机构送交论文的纸质版和电子版，有权将学位论文用于非赢利目的的少量复制并允许论文进入学校图书馆被查阅，有权将学位论文的内容编入有关数据库进行检索，有权将学位论文的标题和摘要汇编出版。保密的学位论文在解密后适用本规定。

本学位论文属于

1、保密（ ），在 年解密后适用本授权书。

2、不保密（ ）

（请在以上相应括号内打“√”）

作者签名：

日期： 年 月 日

导师签名：

日期： 年 月 日

目录

摘 要	V
Abstract	VII
第一章 前言	1
1.1 海洋微生物资源.....	1
1.2 海洋微生物的重要性.....	2
1.3 海洋细菌及其多样性.....	3
1.4 深海可培养细菌.....	4
1.5 深海重金属抗性细菌.....	5
1.6 细菌的鉴定与分类.....	6
1.7 本文的研究目的及意义.....	8
第二章 材料与方法	9
2.1 实验材料.....	9
2.1.1 样品来源.....	9
2.1.2 培养基.....	13
2.1.3 主要实验仪器.....	13
2.1.4 工具酶.....	14
2.1.5 试剂盒和试剂条.....	14
2.1.6 常用溶液.....	15
2.1.7 常用引物.....	16
2.1.8 序列分析处理软件.....	16
2.1.9 常用网址.....	16
2.2 基本方法.....	17
2.2.1 细菌的分离纯化.....	17
2.2.2 细菌单菌基因组 DNA 的提取.....	17
2.2.3 16S rRNA 基因序列 PCR 反应扩增体系.....	18
2.2.4 16S rRNA 基因序列 PCR 扩增程序.....	18
2.2.5 16S rRNA 基因序列 PCR 产物纯化.....	18
2.3 南大西洋可培养细菌的多样性分析方法.....	19
2.3.1 南大西洋可培养细菌的富集和分离鉴定.....	19
2.3.2 南大西洋可培养细菌的系统发育树的构建.....	19
2.4 南大西洋可培养细菌新种的鉴定方法.....	25
2.4.1 16S rRNA 基因分析及系统发育树的构建.....	25
2.4.2 生理生化分析.....	25
2.4.3 化学成分分析.....	32
2.4.4 分子生物学分析.....	37

第三章 结果与讨论	40
3.1 南大西洋可培养细菌的多样性分析	40
3.1.1 总菌株资源的获取情况	40
3.1.2 南大西洋 22 航次菌株资源的获取情况	42
3.1.3 南大西洋 26 航次菌株资源的获取情况	46
3.1.4 讨论	49
3.2 南大西洋可培养细菌新种的鉴定	51
3.2.1 <i>Maricoccus atlantica</i> gen. nov. sp. nov. 新属分类鉴定	51
3.2.2 <i>Roseivivax atlanticus</i> 22II-S10s ^T 新种分类鉴定	58
3.2.3 <i>Oceanicola atlantica</i> sp. nov. 新种分类鉴定	66
3.2.4 <i>Actibacterium atlanticus</i> sp. nov. 新种分类鉴定	74
3.2.5 <i>Aquimarina atlantica</i> sp. nov. 22II-S11-z7 ^T 新种分类鉴定	80
3.2.6 讨论	89
第四章 小结与展望	90
参考文献	92
附录	100
致谢	121

Table of Contents

Chinese abstract	V
English abstract	VII
1 Introduction	1
1.1 Marine microbial resources	1
1.2 The importance of marine microorganisms	2
1.3 Marine bacteria and diversity	3
1.4 Deep-sea culturable bacteria	4
1.5 Heavy metal resistant bacteria in deep-sea	5
1.6 Identification and classification of bacteria	6
1.7 Purpose and significance of this study	8
2 Materials and Methods	9
2.1 Materials	9
2.1.1 Sample source	9
2.1.2 Culture medium	13
2.1.3 Main apparatus	13
2.1.4 Tool enzyme	14
2.1.5 Kits and reagents	14
2.1.6 Common solution	15
2.1.7 Common primers	16
2.1.8 Sequence analysis software	16
2.1.9 Commonly used Website	16
2.2 Basic methods	17
2.2.1 Isolation and purification of bacteria	17
2.2.2 Extraction of single bacteria genomic DNA	17
2.2.3 16S rRNA gene sequences PCR reaction system	18
2.2.4 16S rRNA gene sequences PCR amplification program	18
2.2.5 16S rRNA gene sequences PCR Product purification	18
2.3 Divisity analysis methods of the south Atlantic deep-sea culturable bacteria	19
2.3.1 Enrichment, isolation and identification of the south Atlantic deep-sea culturable bacteria	19
2.3.2 Identification and phylogenetic tree construction of the novel species of the south Atlantic deep-sea culturable bacteria	19
2.4 Novel species identification method of the south Atlantic deep-sea culturable bacteria	25
2.4.1 16S rRNA gene sequences analysis and phylogenetic tree construction	25
2.4.2 Physiological and biochemical analysis	25
2.4.3 Chemical composition analysis	32
2.4.4 Molecular biology analysis	37

3 Results and Discussion.....	40
3.1 The diversity analysis of the south Atlantic deep-sea culturable bacteria ..	40
3.1.1 The total strain resources	40
3.1.2 Strain resources of the 22th Oceanic Survey voyage.....	42
3.1.3 Strain resources of the 26th Oceanic Survey voyage.....	46
3.1.4 Discussion	49
3.2 Novel species identification of the south Atlantic deep-sea culturable bacteria	51
3.2.1 Novel genus classification and identification of <i>Maricoccus atlantica</i> gen. nov. sp. Nov	51
3.2.2 Novel specie classification and identification of strain <i>Roseivivax atlanticus</i> 22II-S10s ^T	58
3.2.3 Novel specie classification and identification of <i>Oceanicola atlantica</i> sp. nov.	66
3.2.4 Novel specie classification and identification of strain <i>Actibacterium atlanticus</i> sp. nov.	74
3.2.5 Novel specie classification and identification of strain <i>Aquimarina atlantica</i> 22II-S11-z7 ^T	80
3.2.6 Discussion	89
4 Conclusion and Prospect.....	90
References	92
Appendix	100
Acknowledgements	121

摘要

深海具有高盐、高压、极酸、极碱、极冷、寡营养、少光照或无光照等特点。深海微生物的培养以及深海生物资源的获取是人类认识其环境作用、研究其功能潜力的前提。目前,人们对南大西洋深海微生物多样性及其功能的研究报道较少。本研究对采集自南大西洋的 59 个样品(沉积物、海水、飞鱼、斧头鱼、珊瑚等)进行了细菌的分离鉴定。为了获取更多的菌种资源,我们通过直接涂布平板分离、石油富集、重金属富集分离等方法,经过细菌单菌基因组 DNA 的提取,16S rRNA 基因 PCR 扩增,16S rRNA 基因 PCR 产物纯化及序列测定等步骤,共分离到 581 株不同细菌(349 株由邵老师分离),分属于 6 个纲 90 个属,其中以 Alphaproteobacteria 纲和 Gammaproteobacteria 纲为主,比例分别为 40%和 29%。90 个属中,数量排在前十位的依次为 *Marinobacter* 属(13%)、*Alcanivorax* 属(9%)、*Erythrobacter* 属(7%)、*Halomonas* 属(6%)、*Sulfitobacter* 属(5%)、*Pseudoalteromonas* 属(5%)、*Alteromonas* 属(3%)、*Oceanicola* 属(3%)、*Pseudomonas* 属(3%)和 *Idiomarina* 属(2%)。其中,16S rRNA 基因相似性低于 98%的潜在新种有 29 株。为了进一步分清其分类地位,本研究选取了 5 株潜在新种,通过 16S rRNA 基因序列及其系统发育树分析、生理生化分析、化学成分分析及分子生物学分析等方法对其进行了系统的分类鉴定工作,结果显示: 22II-S10r2 菌株为 Gammaproteobacteria 纲的一个新属,并将其命名为 *Maricoccus atlantica*; 22II-S10s 菌株为 *Roseivivax* 属的一个新种,命名为 *Roseivivax atlanticus*, 该菌株为该属发现的第七株模式菌株; 22II-S11g 菌株为 *Oceanicola* 属的一个新种,命名为 *Oceanicola atlantica*, 该菌株为 *Oceanicola* 属发现的第七株模式菌株; 22II-S11-z10 菌株为 *Actibacterium* 属的一个新种,命名为 *Actibacterium atlantica*; 22II-S11-z7 菌株为 *Aquimarina* 属的一个新种,命名为 *Aquimarina atlantica*。本研究所分离到的菌株,为后续海洋微生物的研究提供了大量菌种资源。其中,潜在的重金属(Cu^{2+} 、 Cd^{2+} 和 Cr^{6+})抗性菌共有 32 株。潜在的石油降解菌共分离到 77 株菌株,分属于 32 个属 40 个种,其中以 *Alcanivorax* 属、*Marteilella* 属、*Oceanicola* 属、*Sulfitobacter* 属和 *Muricauda* 属五个属占的比例较高。本研究分离得到了大量菌种资源,同时对 5 个细菌新种进行了系统的分类鉴定,这对了解南大西洋可培养微生物的多样性提供了重要的参考信息。

关键词：南大西洋；深海；可培养细菌；细菌新种；分类鉴定

厦门大学博硕士论文摘要库

Abstract

Deep sea has high salt, high pressure, extreme acid, extreme alkaline, extreme cold, oligotrophic, low light or no light characteristics. Deep-sea bacteria have special physiological characteristics, environment functions and great potential in application. In this study, the bacteria were isolated and identified from 59 samples of deep-sea sediment, sea water, fly fish, hatchetfish and coral etc, which are sampled from the south Atlantic. We obtained 581 strains of bacteria in total, by direct isolation and isolating after enrichment with hydrocarbons and heavy metals, and 349 strains were isolated by teacher shao. They were identified through the following steps of extraction of genomic DNA, PCR amplification 16S rRNA gene and sequence analysis. These bacteria belonged to 90 genera of 6 classes. Alphaproteobacteria and Gammaproteobacteria occupied 40% and 29% of the total, respectively. At genus level, the top ten genera and their abundance were *Marinobacter* (13%), *Alcanivorax* (9%), *Erythrobacter* (7%), *Halomonas* (6%), *Sulfitobacter* (5%), *Pseudoalteromonas* (5%), *Alteromonas* (3%), *Oceanicola* (3%), *Pseudomonas* (3%) and *Idiomarina* (2%).

Among these strains, 29 potential novel species were expected, which shared 16S rRNA gene sequence similarity less than 98% with any previously described type strains. In this study, 5 strains representative of 5 potential novel species were further characterized with standard procedure of bacterial taxonomy, including 16S rRNA gene sequences and phylogenetic tree analysis, physiological and biochemical analysis, fatty acids composition analysis and molecular biological analysis etc. As a result, strain 22II-S10r2 of class Gammaproteobacteria is identified as a novel genus, named *Maricoccus atlantica*. Strain 22II-S10s of genus *Roseivivax* is identified as a novel species and named *Roseivivax atlanticus*. Strain 22II-S11g of genus *Oceanicola* is identified as a novel species and named *Oceanicola atlantica*, and it is the seventh discovered strain of this genus. Strain 22II-S11-z10 of genus *Actibacterium* is identified as a novel species and named *Actibacterium atlantica*. Strain 22II-S11-z7 of genus *Aquimarina* is identified as a novel species and named *Aquimarina atlantica*. In short, results of this study provided lots of new microbial strains for further investigation of deep-sea microbiology. Among these strains, 32 strains are potential heavy metal resistant strains of copper, cadmium and chromium. 77 strains are potential oil degradation strains, which belong to 32 genera and 40 species. The top

five genera are *Alcanivorax*, *Marteella*, *Oceanicola*, *Sulfitobacter* and *Muricauda*. This study not only obtained lots of bacteria strains, but also systematically classified and identified 5 novel bacteria species, which provided important information for understanding the diversity of culturable microorganism of the south Atlantic.

Keywords: The South Atlantic Ocean; deep-sea; culturable bacteria; novel bacteria species; taxonomy

厦门大学博硕士论文摘要库

第一章 前言

1.1 海洋微生物资源

地球的表面积大约为 5.1×10^8 平方公里，分为陆地和海洋两个大部分。其中陆地面积约为 1.49×10^8 平方公里，占到地球总表面积的 29% 左右；海洋面积大约为 3.61×10^8 平方公里，占地球总面积的 70.8% 左右。地球约 71% 的表面积由海洋覆盖着，从面积上来讲，地球的主体是海洋。以海平面作为标准，地球全部陆地的平均海拔高度约为 840 米，而所有海洋的平均深度却近 3800 米，全部海水的容积多达 1.37×10^9 立方千米，地球总水量的 97% 为海水^[1]。

按照海底地貌的形态特征的差异划分，海洋一般分为：大陆边缘、大洋盆地和洋中脊三个不同单元。依据海水所处的地理位置及其水文特征的不同，从区域范围上讲，海洋又可划分为洋、海、海湾、海峡等。洋是地球大洋的中心部分和主体部分，它远离大陆，不仅深度大，面积广，而且温度、盐度等不会因大陆的影响而发生变化，因此它具有独立的潮汐系统和强大的洋流系统。太平洋、大西洋、印度洋和北冰洋四大部分共同构成了世界大洋。

大西洋 (Atlantic Ocean)，地处南美洲、北美洲与欧洲、非洲和南极洲之间，为世界第二大洋。南冰洋成立之前，面积约为 8, 221 万 7 千平方千米，2000 年南冰洋成立之后，面积变为 7, 676 万 2 千平方千米，海底平均深度为 3627 米，最深处为波多黎各海沟，深度约为 8605 米。通常以北纬 5° 作为分界线，将大西洋划分为南、北大西洋两部分。

大西洋海底地形具有两大特点，一是大陆棚面积较大，主要集中在欧洲和北美洲的近海沿岸，80.2% 为大于两千米的深水海域，11.1% 的海域深度处在 200-2000 米之间，大陆棚面积占 8.7% 左右，比太平洋、印度洋的大陆棚面积都大。二是洋底中部位置有一条大西洋海岭，从北部的冰岛一直蔓延到南部的布韦岛，长度约 15000 多千米，赤道处的分水鞍将长长的海岭切断，距水面 3000 米左右，有些区域突出水面，形成一系列岛屿。整条海岭蜿蜒曲折呈 S 形，把大西洋分隔为东西两个深水海盆与海岭平行伸展。南半球，中大西洋海岭主体向东、向西还伸出许多横向走向的山脊支脉，比如沃尔维斯海岭（鲸海岭）伸向非洲西南海岸，里奥格兰德海丘伸向南美洲东海岸等等。布韦岛以南称为大西洋-印度

洋海盆，是一片深度达 5000 多米的区域。南桑威奇海沟为南大西洋的最深点，深度可达 8428 米。

海洋是生物资源的巨大宝库，尤其是占地球总面积约二分之一的深海（3000-6000 米）是人类的宝贵财富。海洋微生物分布广、种类多，基因资源十分丰富，包括病毒、古菌、细菌和真核生物四个大类。海洋环境的特征为高盐、高压、低温（尤其是深海）、低光照、寡营养等，这些环境特点使得许多微生物资源异于陆地。

海洋微生物在海洋中的分布十分广泛，可以说在海底的角角落落都有它们的存在，随着海水深度的不断增加，微生物的丰度和数量逐渐减少。在表层海水或近岸沉积环境中，海洋微生物可达 10^6 - 10^9 个/mL，在大于 1000 米的深海环境，海洋微生物的数量约为 10^3 个/mL^[2]。有研究报道，海底中原核生物的生物量约占地球总生物的 10%-30%^[3]，沉积环境原核微生物达 10^{30} 个，其中细菌占的比例最大。

海洋环境的微生物具有丰富多样、新奇独特的特点，是人类发现新材料、新功能、新基因、新机制的最为理想的资源。海洋微生物的种类、生理、代谢、生态及遗传进化等的特征，为环境修复、新能源、创新药物等研发提供了大量的宝贵材料。迄今为止，人类已经发现了 150 万种微生物，除存在于陆地的 7.2 万种以外，其余都来源于海洋。目前为止，已经研究和鉴定过的海洋微生物占不到海洋微生物总量的 5%^[4]，大量的海洋微生物等待我们的发现和研究。

1.2 海洋微生物的重要性

随着人类社会的不断发展和地球人口的不断增加，人类对资源的需求越来越紧迫。陆地资源十分局限，因此越来越难以满足人们逐步增长的需求。而海洋中蕴藏着大量的生物资源，是等待发掘资源的巨大宝库。海洋微生物是新型生物活性物质的重要来源之一。数十年来，新型药物的研究难度不断增大，传统的药物研究方式难以满足当今及未来的需求，海洋药物逐渐成为药物开发的热点方向。由于深海环境的特殊性（高盐、高压、极酸、极碱、极冷、寡营养、少光照或无光照等）造就了许多可以产生生物活性物质的微生物，这些活性物质不仅结构新颖独特，而且生物活性强，为研制海洋新型药物提供了生物活性物质和重要的先

导化合物。例如：河豚毒素的产生菌有：别单胞菌属（*Alteromonas*）、不动杆菌属（*Acinetobacter*）、弧菌属（*Vibrio*）、假单胞菌属（*Pseudomonas*）、邻单胞菌属（*Plesiomonas*）、发光杆菌属（*Photobacterium*）、气单胞菌属（*Aeromonas*）、孢杆菌属（*Bacillus*）等^[5]。日本科学家从海泥中分离链霉素并产生了氨基糖苷类抗生素—天神霉素（*istamycins*）、从海洋细菌中提取出了广谱低毒抗生素—伊地霉素^[5]。

另一方面，海洋微生物在环境中发挥着重要作用，可以用于生态环境的保护。例如，石油泄漏频频发生，微生物降解在应对石油污染问题中发挥着重要作用。人为方法只能清除约 70% 的泄漏原油，剩下的 30% 仍然滞留在海洋里，如何彻底清除值得我们每一个人的思考。值得庆幸的是，近年来，研究人员发现了大量具有降解石油和同化石油功能的海洋微生物，如有报道的：食烷菌属（*Alcanivorax*）、气单胞菌属（*Aeromonas*）、无产杆菌属（*Achromobaeter*）、弧菌属（*Vibrio*）、假单胞菌属（*Pseudomonas*）、不动菌属（*Acinetobacter*）、芽孢杆菌属（*Bacillus*）、葡萄球菌属（*Staphylococcus*）、黄杆菌属（*Flavobacterium*）、产碱杆菌属（*Alcialigenes*）、肠杆菌属（*Enterobacteriaceae*）、棒状杆菌属（*Corynebacterium*）、节杆菌属（*Arthrobacter*）、微球菌属（*Mirococcus*）和乳杆菌属（*Lactobacillns*）等。这些细菌的发现为生物方法彻底清除海洋中滞留的石油提供了可能。此外，许多海洋微生物可以降解环境中的有毒物质（重金属、多环芳烃、杀虫剂等），如：*Bacillus arsenicus*、*Bacillus pumilus*、*Planococcus maritimus*、*Staphylococcus pasteurii* 等被报道具有多种重金属抗性^[6]；*Cycloclasticus* sp.strain P1 可以降解茈^[7]；*Arenibacter algicola* 可以降解芳香烃^[8]；*Sphingomonadaceae* 和 *Rhodobacteraceae* 中两个新属的菌株 PHPY 和 SK 可以降解菲^[9]等。许多海洋微生物在污水治理方面也具有重要作用。可见，海洋中潜藏着大量珍贵的微生物资源，这些微生物在环境治理等方面具有巨大潜能。

1.3 海洋细菌及其多样性

海洋中微生物的种类和数量都十分惊人，海底沉积物中微生物的种类更为广泛^[10]。而海洋细菌又是海洋微生物的重要组成部分。海洋细菌包括化能异养菌和化能自养菌两个大类，化能自养菌可以通过氧化还原无机底物获得能量，从而将

二氧化碳转化成有机物分子,属于深海中的初级生产者,对生物地球化学中物质循环起着十分关键的作用。根据氧化还原底物的不同,海洋中的化能自养菌主要分为硝化细菌,氧化还原型无机硫化物的细菌,甲烷氧化细菌三个大类。硝化细菌,氧化 $\text{NH}_4^+ \rightarrow \text{NO}_2$ 或 $\text{NO}_3^- \rightarrow \text{NO}_3^-$, 在海洋氮循环中起着重要作用。硫氧化细菌,是海洋硫循环的重要参与者。甲烷氧化细菌,主要分布于深海沉积物的上层,其所利用的甲烷是深海沉积物深层生物厌氧产生的。海洋化能异样菌,包括革兰氏阳性菌和革兰氏阴性菌。目前,对革兰氏阴性菌的报道较多,大多为假单胞菌科和弧菌科^[11-13]。

海洋中常见的细菌主要有以下几个系统类群:变形细菌群、CFB 类群(噬纤维菌属/屈挠杆菌/拟杆菌类群)、革兰氏阳性细菌群(包括高 G+C 和低 G+C)、浮霉状菌、衣原体及一些尚未获得培养的系统类群等。其它的细菌类群海洋环境中也存在,但相应报道较少。

变形细菌群(Proteobacteria)是各种环境中主要的类群^[14-17],该菌群由 5 个亚门组成,分别为 Alphaproteobacteria、Betaproteobacteria、Gammaproteobacteria、Deltaproteobacteria 和 Epsilonproteobacteria。该菌群是海洋沉积物中最庞大且最多样化的一个组群^[18-20],各亚群分布特点各异,有的在海洋中自由存在,有的与海洋动植物共生或共栖。一般而言,海洋中能够利用光能生长的细菌以 Alphaproteobacteria 类群为主;而弧菌、假单胞菌、硫酸盐还原菌及与海洋动植物的氧化硫内共生细菌等,大部分归属于 Gammaproteobacteria 和 Deltaproteobacteria 类群;而在海洋的厌氧或热液等环境中,一些与该环境的动物共生的细菌,多数属于 Epsilonproteobacteria,这些共生的细菌在该环境的碳、硫循环中起着重要的作用^[21, 22]。

1.4 深海可培养细菌

深海蕴藏着大量微生物,包括病毒、古菌、细菌、真核生物四个大的类群,其中细菌的数量最为庞大。深海细菌在海洋环境的能量流动、物质循环、环境净化、生态平衡等许多方面都承担着重要的角色。除此之外,深海细菌由于其独特的生存环境,使其具有了特殊的生理特性。开展海洋细菌资源的发掘和研究是海洋细菌走向应用,服务于人类的关键。近年来,随着人们对海洋认识和重视程度

的不断加大,海洋细菌的研究报道日益增多,其中深海细菌则成为人们研究的重点之一。深海细菌顾名思义,是来自深海的细菌,它的分布范围十分广泛,可以说深海的角角落落都有它的存在,包括热带^[23]、亚热带^[24]、温带^[25]、寒带^[26]、及深海海底的热液区^[27]、冷泉^[28],以及重金属结核区^[29]等。由于生境的多样性和特殊性,目前也已经发现了大量特殊(功能、基因、代谢类型)的可培养细菌,如:深海嗜低温羧降解细菌 Nah-1^[30],产表面活性产物的细菌^[31],嗜盐硫氧化细菌^[32],多环芳烃降解菌^[33],与后生动物共生的细菌^[34],耐压细菌^[35],抗菌抗癌多肽产生细菌 *Paenibacillus profundus* S179^[36],胞外多糖产生菌 *Zunongwangia profunda* SM-A87^[37]等等。深海有如此多的宝贵细菌资源,如何将这些资源应用到我们的实际生活中,使其更好的服务于人类,需要我们不断的发掘和研究。

1.5 深海重金属抗性细菌

近年来,伴随着工业的发展,环境污染问题也日益严重,大量重金属离子对人类健康和生态环境造成了严重威胁。作为环境质量的重要指标,重金属污染已经成为环境污染的一大问题。重金属是指比重大于 5 的金属或原子序数大于 21 的金属。主要是指汞、铜、铅、锌、铬、银、锡、钴、镍、硒等。由于砷在毒性和某些性质上与上述元素类似,虽然为非金属,但被归于重金属的行列。重金属污染的范围十分广泛,大气、海洋、土壤以及河流湖泊都存在着不同程度的污染^[38]。海洋的重金属有两大来源,一是天然来源,如海底火山喷发、地壳岩石风化和陆地水土流失等等将大量重金属通过大气、河流等途径注入海洋。二是人为来源,主要是工业“三废(废水、废气、废渣)”排放以及燃料的燃烧释放出的重金属通过大气从而注入海洋。海洋中的重金属一般是经食物链途径最终进入人体。重金属对生物的危害程度一般而言汞>铅>镉>锌>铜;有机汞>无机汞、六价铬>三价铬。由于重金属具有危害大,难降解等特点,所以,重金属污染已经越来越多的被人们所关注,成为全球环境污染的突出问题。

深海中,即使在重金属含量很高的条件下,大量微生物仍然能存活生长,表现出对重金属的巨大抗性,有些还能通过生理代谢活动或转化等方式使重金属从高毒状态到低毒或无毒状态转变,这种行为成为微生物对重金属的抗性和解毒机制^[39]。解毒机制是指微生物能够将抑制其生长的重金属通过运输、吸附、转化等

Degree papers are in the "[Xiamen University Electronic Theses and Dissertations Database](#)". Full texts are available in the following ways:

1. If your library is a CALIS member libraries, please log on <http://etd.calis.edu.cn/> and submit requests online, or consult the interlibrary loan department in your library.
2. For users of non-CALIS member libraries, please mail to etd@xmu.edu.cn for delivery details.

厦门大学博硕士论文摘要库